第 37 卷第 20 期
2017 年 10 月

生 态 学 报
ACTA ECOLOGICA SINICA

Vol.37,No.20
Oct.,2017

DOI: 10.5846/stxb201607311571

田琴,牛春梅,谷口武士,山中典和,时伟宇,杜盛.黄土丘陵区植被类型与土壤微生物区系及生物量的关系.生态学报,2017,37(20):6847-6854.
Tian Q, Niu C M, TANIGUCHI Takeshi, YAMANAKA Norikazu, Shi W Y, Du S.Relationship among vegetation types and soil microbial biomass in the Loess Hilly region of China.Acta Ecologica Sinica,2017,37(20):6847-6854.

黄土丘陵区植被类型与土壤微生物区系及生物量的关系

田 琴[1,5],牛春梅[2],谷口武士[3],山中典和[3],时伟宇[4],杜 盛[1,2,*]

1 中国科学院水利部水土保持研究所,黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室, 杨凌 712100
2 西北农林科技大学, 杨凌 712100
3 日本鸟取大学干燥地研究中心, 鸟取 680-0001
4 西南大学地理科学学院, 重庆 400715
5 中国科学院大学, 北京 100049

摘要:以陕西延安黄土丘陵区 5 种不同植被类型(人工刺槐林、天然侧柏林、天然辽东栎林、灌丛和裸地)为研究对象,分析了土壤微生物生物量碳、氮含量、细菌和真菌的丰度变化规律及其与土壤基本化学性质的关系。结果表明:(1)4 种植被类型的土壤质量较之裸地都有不同程度的改善,总体趋势:天然林地>人工林地>裸地;(2)土壤微生物生物量碳、氮的总体趋势:天然林地最高,人工林次之,裸地最低,且与土壤有机碳(SOC)、全氮(TN)和速效磷(AP)极显著正相关($P < 0.01$);(3)裸地土壤的细菌丰度最低,人工刺槐林真菌含量显著低于天然辽东栎林。细菌丰度与土壤营养状况呈显著正相关($P < 0.05$),而真菌与土壤营养无明显相关性,只与土壤 pH 负相关。说明在该研究区域,植被类型与土壤质量对微生物资源都具有不同程度的作用。

关键词:植被类型;土壤细菌;土壤真菌;土壤微生物生物量碳;土壤微生物生物量氮

Relationship among vegetation types and soil microbial biomass in the Loess Hilly region of China

TIAN Qin[1,5], NIU Chunmei[2], TANIGUCHI Takeshi[3], YAMANAKA Norikazu[3], SHI Weiyu[4], DU Sheng[1,2,*]

1 *State Key Laboratory of Soil Erosion and Dryland Farming on Loess Plateau, Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resources, Yangling* 712100, *China*
2 *Institute of Soil and Water Conservation, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling* 712100, *China*
3 *Arid Land Research Center, Tottori University Tottori* 680-0001, *Japan*
4 *School of Geographical Sciences, Southwest University, Chongqing* 400715, *China*
5 *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing* 100049, *China*

Abstract: To remedy adverse impacts on ecological environments, vegetation restoration has been completed on the Loess Hilly region of China, thus yielding changes in vegetation types, and secondary forests and exotic vegetation have reclaimed most of this area. Vegetation type plays an important role in soil quality, and similar land-use types usually possess similar soil properties and, most likely, similar microbial communities. To assess the effects of vegetation type on soil development, we measured the basic physicochemical properties, microbial biomass carbon (MBC) and nitrogen (MBN), and the number of bacteria and fungi of soils from areas with five different vegetation types, including a secondary natural oak forest, a non-typical natural forest of oriental arborvitae, a natural shrub land, a planted forest of black locust, and a plot of

基金项目:国家自然科学基金(41411140035,41171419)
收稿日期:2016-07-31; **网络出版日期:**2017-06-01

* 通讯作者 Corresponding author.E-mail: shengdu@ ms.iswc.ac.cn

unforested bare land. We found that (1) soil properties improved with the presence of vegetation, compared with the abandoned bare land, and that there were differences in the physicochemical properties of soil from the different land-use types. Soils from the bare land and black locust forest yielded higher pH values than the natural forests, and the overall trend of soil quality was: natural forest > plantation > bare land. This indicated that vegetation coverage, especially natural types, has a beneficial effect on soil nutrient conditions and soil pH. (2) Similar to the trend of the other soil parameters, both MBC and MBN were highest in the oak forest and shrub land and lowest in the bare land and black locust forest. These two indices (MBC and MBN) were also strongly correlated with specific soil properties (soil organic carbon, $r^2 = 0.725$, total nitrogen, $r^2 = 0.736$, and phosphorus, $r^2 = 0.775$; $P < 0.001$), suggesting that vegetation type and soil properties influence microbial biomass. Thus, microbial biomass can be used to assess soil trophic status and which lower in oligotrophic soils on the Loess Plateau of China. In our study area, the soil was alkaline (pH 8.18—8.48), and the MBC/MBN ratio was ~6, indicating that actinomycetes were dominant, possibly facilitated by the alkaline soil conditions. (3) Bare land harbored the lowest abundance of bacteria, and the abundance of fungi in the black locust was lower than that of the oak forest. The abundance of bacteria exhibited a strong relationship with specific soil properties and was positively correlated with C/N ratio ($r^2 = 0.754$, $P < 0.001$), soil organic carbon ($r^2 = 0.636$, $P < 0.05$), total nitrogen ($r^2 = 0.611$, $P < 0.05$), and phosphorus ($r^2 = 0.775$, $P < 0.05$), and negatively correlated with pH ($r^2 = 0.761$, $P < 0.001$). In contrast, the abundance of fungi was only correlated with soil pH, thus confirming previous reports that bacteria and fungi respond to different environmental factors. This discrepancy may result from the different functions of bacteria and fungi. Fungi are primarily responsible for the decomposition of recalcitrant soil organic matter in forest soils. Thus, the overall trend of soil characteristic was: natural forest > plantation > bare land, indicating that the recovery of soil quality differed among plots with different vegetation types, and both soil microorganisms and soil microbial biomass, to a certain extent, can be used as an important index of soil fertility.

Key Words: vegetation type; soil bacteria; soil fungi; soil properties; the Loess Hilly region

土壤微生物作为生态系统的分解者,是土壤中最具活力的部分,其不仅参与生态系统的能量转化、物质代谢[1],影响着地球生物化学循环;对土壤理化性质的改善也起着重要作用[2],间接促进植被生长。土壤微生物量是土壤养分的储存库,是土壤物质代谢的指标,其与土壤养分和健康状况有着密切的联系[2],其含量越高、微生物群落活跃程度越高,一定程度上可以反映该生态系统具有越强的物质循环能力和促进植被生长发育的能力[3]。土壤微生物对环境的变化非常敏感,即使在相同立地条件下,不同植被类型也会引起土壤微生物生物量较大的差异[4],从而改变生态系统功能。

黄土丘陵区是黄土高原水土流失最严重的区域,也是国家植被恢复与重建的重点区域。自 1999 年实施了退耕还林工程以来,植被类型发生重大改变。目前区内天然植被破坏比较严重,现存植被类型主要有天然次生林、灌丛和大面积的人工林。随着对全球变暖的关注,目前对于森林生态系统碳库的收支状况存在很大争议,有的研究认为森林生态系统是碳源,有的认为是碳汇[5],其分歧主要源于对森林生态系统碳的输出。土壤异养呼吸是土壤碳库输出的唯一途径,为了回答该问题,首先要探明不同植被类型下土壤微生物及其土壤微生物量的特征,从而更好地解释该地区森林土壤碳源或碳汇争议。大量研究表明微生物的特征受到众多因素影响[6],植被覆盖可以增加土壤微生物生物量碳氮含量,植被类型对于微生物种群具有一定的选择性[7];同时土壤碳制约着植被的生长。国内对黄土高原地区也开展了大量研究[3],但微生物对于环境因子的响应随生态系统而异,即便在相同的气候条件和土壤类型下,不同植被类型的土壤微生物仍然存在较大差异[8]。黄土高原地区生态系统多样,地形复杂,人们尚未充分认识到该地区不同植被类型下土壤微生物的特征。

本文以陕北黄土丘陵区典型人工林(刺槐(*Black locust*))、天然乔木林(辽东栎(*Oak*)、侧柏(*Oriental*

arborvitae))、天然灌丛(shrub land)、撂荒裸地(bare land)五种植被类型的表层土壤(0—20 cm)为研究对象,研究不同植被类型下土壤真菌和细菌的数量及土壤微生物生物量碳氮的特征,对预测和控制未来土壤生态系统中碳流的方向、速度以及全球碳循环具有重要的理论和实践意义,进而为解释该地区森林生态系统碳库的收支状况提供理论依据。随着国际微生物组计划的提出,全面认识地球微生物,也有助于解决影响全球生态圈的问题。更重要的是,为该地区生态建设中不同种植制度与森林结构的优化调整提供参考依据。

1　材料与方法

1.1　研究区概况

本研究区位于陕西省延安市宝塔区柳林镇公路山林地(36°25.40′N, 109°31.53′E, 1353 m a.s.l.),该地区位于森林区与森林草原区的过渡地带,为森林分布区的北缘,地貌属黄土高原丘陵沟壑区。该区属温带半干旱气候区,根据延安市气象局的统计资料(1971—2010 a),该地区平均年降水量为504.7 mm,其中6—9月份降水量约占全年降水量的71%,年均气温为10.1℃[9]。土壤类型主要是黄绵土,微碱性(pH 7.8—8.5)。生长季从4月到10月,主要植被类型为天然林(辽东栎(*Quercus liaotungensis*)、侧柏(*Platycladus orientalis*)、油松(*Pinus tabuliformis*)、山杨(*Populus davidiana*)、白桦(*Betula platyphyllalla*))、人工林(刺槐(*Robinia pseudoacacia*)、油松及华北落叶松(*Larix principis-rupprechtii*)等)、天然灌丛(小叶锦鸡儿(*Caragana microphylla*)、水栒子(*Cotoneaster multiflorus*)、紫丁香(*Syringaoblata*)、黄蔷薇(*Rosa hugonisHemsl.*)等)和撂荒裸地(铁杆蒿(*Artemisia gmelinii*)和白羊草(*Bothriochloa ischaemum*)等)。

1.2　样地设置及土样采集

于2013年8月在公路山林区,选择:(1)人工刺槐林(PL),外来树种,林龄约为30a,树高约为8—10 m;(2)天然侧柏林(NA),乡土树种,林龄约为50a,树高约为8—10 m,郁闭度30%—40%;(3)天然辽东栎林(NO),乡土树种,林龄约为60a,树高约为8—12 m;(4)天然灌丛(NS),乡土树种;(5)撂荒裸地(BL),几乎没有植被覆盖;不同的植被类型作为试验样地。所选林地均为成熟林;以撂荒裸地(BL)作为对照样地。该研究区域在空间上相邻(相距几百米),气候条件相似[9]。按对角线法选取五点,采集0—20 cm的土样,各样地内设置坡上、中、下3个样方。室内过2 mm筛后,一部分存储于4℃冰箱,一部分自然风干密封保存。

1.3　土壤微生物生物量的测定

调节新鲜土壤样品含水量至饱和持水量的60%后将其置于广口瓶内,用保鲜膜封口,25℃下培养7 d,之后进行微生物量碳、氮的测定。微生物量碳氮采用氯仿熏蒸-浸提法[1],微生物量碳(Soil microbial biomass carbon-MBC)和氮(Soil microbial biomass nitrogen-MBN)用硫酸钾浸提,浸提液中有机碳用全自动有机碳分析仪(Tekmar-Dohr-mann Apollo 9000 TOC Combustion Analyzer)测定,转换系数取0.38[10];浸提液中全氮用凯氏法消煮—全自动定氮仪测定[11]。

1.4　土壤化学性质的测定

取风干并过筛的土样[9]按常规方法测定土壤有机碳(SOC)、全氮(TN)、pH值、速效磷(AP)、速效钾(AK)[9]。

1.5　细菌和真菌的qRT-PCR定量分析

使用Power Soil® DNA试剂盒(MOBIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA)提取土壤微生物DNA,1%琼脂糖凝胶检测DNA,用胶回收试剂盒(TianGen Biotech Co., Ltd)纯化DNA,纯化后置-40℃冰箱保存,每个土样均3个重复。细菌和真菌的qRT-PCR定量分析所用引物分别为Eub338/Eub518和nu-SSU-1196F/nu-SSU-1536R[12-14]。PCR反应体系包含4 μL PCR混合液、正反向引物各1.0 μL、2.0 μL DNA模板,加12 μL ddH_2O,总体积为20 μL。PCR扩增程序为95℃预变性2 min,95℃变性10 s,55℃退火10 s,72℃延伸10 s,45个循环,最后65℃再继续延伸1 min,4℃保存。

1.6　数据处理

数据经过整理,进行统计分析。其中,不同植被类型的差异采用单因素方差分析(One-Way ANOVA)和最

小显著差异法(LSD)进行分析比较,各因子间的相关关系采用 Pearson 相关系数法进行评价,所有数据均为 3 次重复的平均值。

2 结果与分析

2.1 不同植被类型下土壤化学性质

本研究所有土壤均属微碱性,pH 值从 8.12(天然侧柏林)到 8.55(撂荒裸地)(表 1)。裸地和人工刺槐林的 pH 显著较高($P < 0.05$)。大量的研究表明,如果植被类型相似,土壤的理化性质也相似[15]。本研究中天然林在土壤养分的累积上优于人工刺槐林,与森林样地相比,裸地的土壤营养比较贫瘠(较低的 SOC、TN、AK、AP 和 C/N($P < 0.05$)),而人工刺槐林的 SOC、TN 和 C/N 含量显著低于其他天然林的含量($P < 0.05$)。土壤营养的总体变化趋势为:天然林>人工林>裸地(表 1)。由此可见,不同植被类型对土壤质量的作用不同,天然林和灌丛在改善 pH 和土壤养分方面的作用要优于人工刺槐林和裸地。

表 1 不同植被类型下土壤的化学性质

Table 1 Soil chemical properties of different land use types (mean±SE)

植被类型 Vegetation type	有机碳 Organic C/%	全氮 Total N/%	速效钾 Available K/(mg/kg)	速效磷 Available P/(mg/kg)	土壤 pH pH	土壤碳氮比 C/N
人工刺槐林(PL)	1.08(0.09) c	0.11(0.00) c	190.13(10.67) a	2.12(0.07) d	8.45(0.04) a	9.51(0.50) b
天然侧柏林(NA)	1.88(0.24) b	0.17(0.02) b	139.73(33.94) b	2.10(0.17) d	8.18(0.06) b	11.08(0.15) a
天然辽东栎林(NO)	2.86(0.42) a	0.26(0.02) a	142.88(7.76) bc	3.31(0.35) a	8.23(0.11) b	11.07(0.93) a
天然灌丛(NS)	2.26(0.27) ab	0.23(0.02) a	174.17(14.45) ac	2.46(0.12) b	8.27(0.03) b	9.84(0.23) b
裸地(BL)	0.70(0.09)c	0.08(0.01) c	76.22(7.11) d	1.65(0.05) c	8.48(0.12) a	8.94(0.59) b

同列数据中不同小写字母表示差异性显著($P < 0.05$);PL: 人工刺槐林 Planted Black Locust, NA: 天然侧柏林 Natural Oriental Arborvitae, NO: 天然辽东栎林 Natural Oak forest, NS:天然灌丛 Natural Shrub Land, BL: 撂荒裸地 Bare Land, SOC: 有机碳 Soil organic carbon, TN: 全氮 Total nitrogen, AK: 速效钾 Available potassium, AP: 速效磷 Available phosphorus

2.2 不同植被类型下土壤微生物生物量碳、氮及其比值

本研究中,森林 MBC 含量为 139—98 mg/kg,森林 MBN 含量为 21—13 mg/kg 分别是裸地的 3 和 2 倍。方差分析表明,不同植被类型 MBC 含量显著不同($P < 0.05$),天然林(NA、NO)、灌丛(NS)和人工刺槐林(PL)的含量显著高于裸地(BL),其中天然林和灌丛的含量(NA、NO、NS)又显著高于人工刺槐林(PL)(图 1)。不同植被类型 MBN 含量显著不同($P < 0.05$),天然林(NA、NO)、灌丛(NS)和人工刺槐林(PL)的 MBN 含量显著高于裸地,天然辽东栎林和天然灌丛的含量显著高于人工刺槐林,而天然林和灌丛之间没有显著性差异(图 1)。总之,土壤微生物生物量碳氮表现出天然林、灌丛的土壤微生物生物量最高,人工林次之,裸地最低的趋势。

本研究与前人的研究结果基本一致[2],本研究 MBC 和 MBN 均与 SOC 和土壤 TN 极显著正相关,且与土壤 AP 也极显著正相关($P < 0.01$)(表 2),与土壤速效钾、碳氮比和土壤 pH 未达到显著相关。这表明土壤微生物量不仅与土壤有机碳、全氮、速效磷紧密相关,与植被类型也有一定关系(表 2)。

5 种不同植被类型中,MBC/MBN 的含量没有显著差异,其值在 6 左右。MBC/SOC 在 4.05%—6.93%间变化,且天然辽东栎林、天然侧柏林含量显著高于人工刺槐林和裸地($P < 0.05$);不同植被类型下 MBN/TN 在 7—11 间变化,但未表现出显著差异(表 3)。

2.3 不同植被类型土壤细菌和真菌数量

与裸地相比,植被覆盖可以显著增加土壤的细菌基因组 DNA 含量($P < 0.05$)(图 2),森林土壤为(7.05—9.46)$\times 10^7$拷贝/g 干土,而裸地为 2.9×10^7拷贝/g 干土,裸地细菌含量显著低于林地和灌丛,天然林和灌丛与人工林之间差异不显著($P < 0.05$)。细菌丰度与土壤 SOC、TN、AP 显著正相关,与土壤 pH 极显著负相关($P < 0.01$)(表 4)。

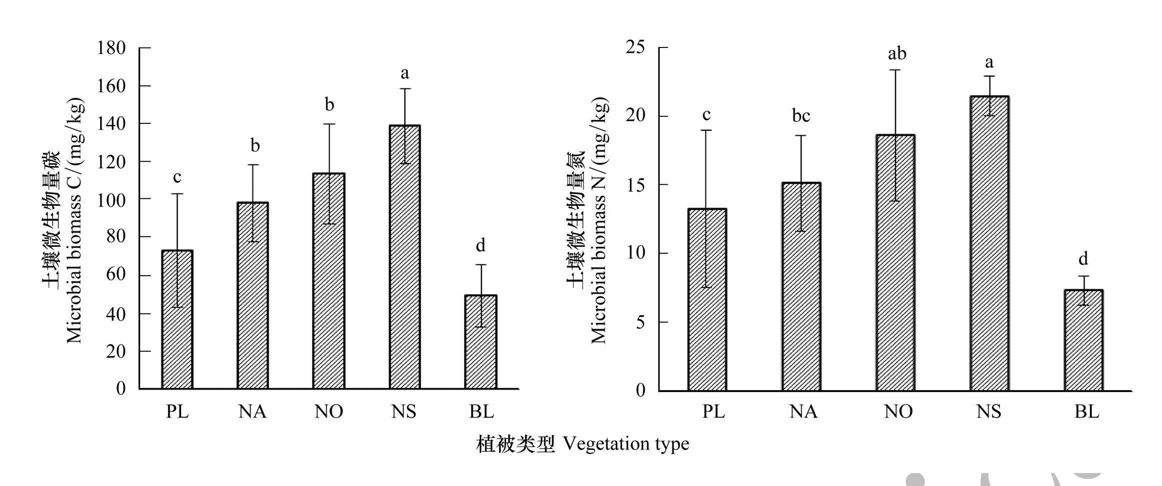


图 1　不同植被类型下土壤微生物量碳、氮

Fig.1　The microbial biomass carbon, nitrogen under different vegetation types

PL: 人工刺槐林 Planted Black Locust, NA: 天然侧柏林 Natural Oriental Arborvitae, NO: 天然辽东栎林 Natural Oak forest, NS: 天然灌丛 Natural Shrub Land, BL: 撂荒裸地 Bare Land; a, b,c, d: 差异的显著性

表 2　土壤微生物量碳、氮与土壤化学性质的相关性

Table 2　Correlation among soil microbial biomass carbon, nitrogen and soil chemical properties

微生物生物量 Microbial biomass	有机碳 SOC	全氮 TN	速效钾 AK	速效磷 AP	土壤 pH pH	土壤碳氮比 C/N
微生物量碳(MBC)	0.725 **	0.736 **	0.4	0.775 **	−0.304	0.393
微生物量氮(MBN)	0.661 **	0.679 **	0.189	0.689 **	−0.371	0.432

* 表示存在显著相关($P < 0.05$), * * 表示存在极显著相关($P < 0.01$);MBC: 微生物生物量碳 microbial biomass carbon, MBN: microbial biomass nitrogen

表 3　不同植被类型下土壤微生物生物量比

Table 3　Soil microbial biomass ratio of different land use types (mean ± SE)

植被类型 vegetation type	微生物量碳氮比 MBC /MBN	微生物量碳/有机碳 MBC /SOC	微生物量氮/全氮 MBN /TN
人工刺槐林(PL)	5.91±2.35	6.84±2.86b	11.69±5.13
天然侧柏林(NA)	6.62±1.16	5.17±0.54a	8.8±1.35
天然辽东栎林(NO)	6.34±1.75	4.05±1.08a	7.17±1.83
天然灌丛(NS)	6.46±0.80	6.24±1.47ab	9.42±1.16
裸地(BL)	6.79±2.24	6.93±1.53b	9.39±0.35

同一列不同字母表示差异显著

表 4　不同植被类型土壤微生物数量与土壤化学性质的相关性分析

Table 4　Correlation among bacterial number, fungal number and soil properties

微生物种类 Microbial type	有机碳 SOC	全氮 TN	速效钾 AK	速效磷 AP	土壤 pH pH	土壤碳氮比 C/N
细菌数量 NB	0.636 *	0.611 *	0.246	0.518 *	−0.761 **	0.754 **
真菌数量 NF	0.404	0.4	−0.304	0.354	−0.546 *	0.429

* 表示存在显著相关($P < 0.05$), * * 表示存在极显著相关($P < 0.01$);NB: 细菌数量 number of bacteria, NF: 真菌数量 number of fungi

不同植被类型下,人工刺槐林土壤的真菌含量显著低于天然辽东栎林,但是与裸地、天然侧柏林和天然灌丛差异不显著($P < 0.05$)(图 2)。裸地的真菌含量与天然辽东栎林、天然侧柏林和天然灌丛无显著差异。真菌的丰度与土壤 pH 呈显著负相关,与土壤有机碳、全氮、速效磷、速效钾和碳氮比没有达到显著相关($P < 0.05$)(表 4)。

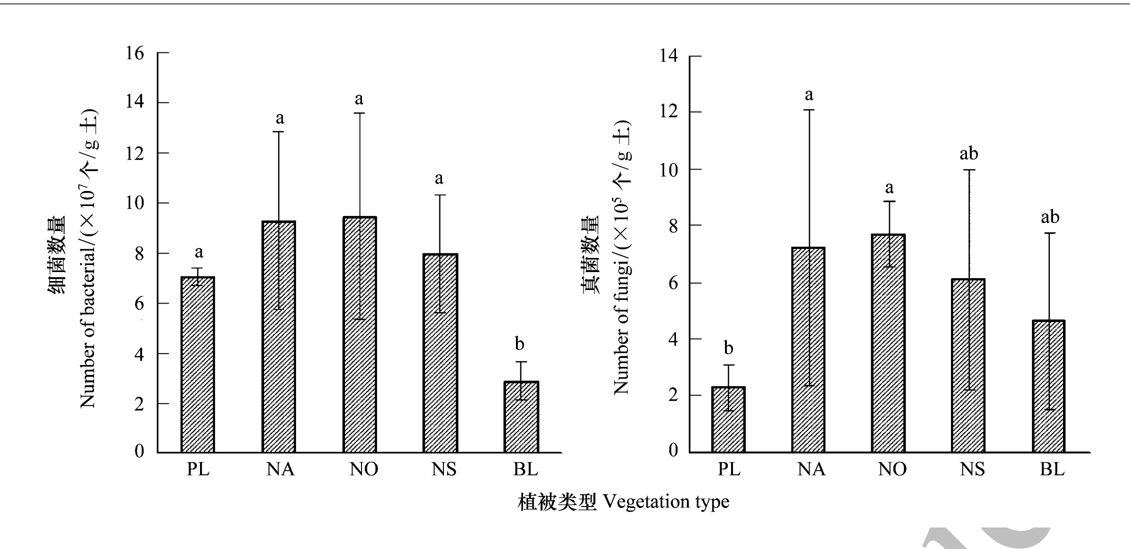


图 2 不同植被类型下土壤细菌和真菌 qRT-PCR 分析

Fig.2 qRT-PCR analysis of bacteria and fungi in different forestry soil

a, b, c, d:差异的显著性

3 讨论

本研究所有土壤均属微碱性,裸地和人工刺槐林的 pH 显著较高($P < 0.05$),这说明天然林对于土壤的 pH 值具有一定的改善作用,而人工刺槐林的改善能力较弱。土壤有机碳储量及其活性受诸多自然因素的影响,其中植被类型是土壤有机碳周转的重要驱动因素。不同植被类型输入土壤的有机质不同,从而影响土壤微生物活性,进而改变土壤的功能和性质使森林土壤成为碳源或碳汇。本研究天然林在生长过程中凋落物输入量明显较人工刺槐林和裸地高,且天然林的根系发达,天然灌丛的植被种类多样,均为土壤系统的养分补给和改善提供了充足的物质来源,这些物质经微生物的作用后,形成腐殖质,从而更有利于土壤养分的累积,使土壤 SOC 和 TN 含量较高。本研究与前人的研究结果一致[16],本研究土壤营养状况的总体变化趋势为:天然林(NA、NO、NS)>人工林(PL)>裸地(BL),说明该区域土壤质量正以不同速率处于改善之中,从而间接地影响土壤微生物。

土壤微生物生物量是反映土壤质量的重要生物学指标,可以敏感地反映土壤性质的改变[3]。土壤微生物生物量受许多生态因子的影响[6],其中不同的植被类型主要通过环境的改善和能源物质的输入来影响土壤微生物[7]。与张崇邦[17]和 Wang[18]等研究结果相似,天然林土壤微生物数量和 MBC 含量高于人工林,裸地的土壤微生物生物量最小,说明植被覆盖可以增加土壤微生物生物量碳氮含量,尤其天然辽东栎林积累土壤微生物生物量碳氮及 SOC 和 TN 的强度高于人工刺槐林和裸地。

一方面,森林植被的生长增加了植被覆盖度,减少了一定的光直射,同时森林植被庞大的根系可有效保持水土,从而改善土壤的微气候环境[7],有利于土壤微生物的生长发育;但是人工刺槐林存在过度耗水、耗氮、易发生土壤侵蚀等问题,不利于土壤的再生和维持[19]。裸地土壤暴露于太阳下,环境条件恶劣,水土保持能力差,营养流失严重,土壤质量贫瘠,不利于微生物生长。从不同植被对土壤微生物生物量碳的影响结果来看,本研究结果也符合一般规律:植被覆盖地>裸地,阔叶树种>针叶树种,天然林>人工林[20]。

另一方面,MBC 和 MBN 与 SOC、TN 和 AP 的变化趋势基本一致(显著正相关 $P < 0.05$),说明 SOC、TN 和 AP 资源可能是土壤微生物生物量的调节因子。本研究,由于不同的植被类型输入地下的生物量类型和数量不同(有机碳含量、枯落物的质量等),导致天然林和灌丛的土壤 SOC、TN 和 AP 显著提高($P < 0.05$),微生物所受限制小,利于其生长繁殖。同时不同的植被类型根系密度也易改变土壤水分条件、养分供应状况,从而导致 SOC 和 TN 的含量不同[7],进而影响微生物的生长繁殖。有报道认为土壤微生物生物量更容易受到土壤中碳和氮的限制[1]。而本研究结果显示,MBC 和 MBN 不仅与 SOC、TN 显著相关,且与 AP 也显著相关,与王国

兵的研究结果相似,表明该地区不仅 SOC 和 TN,且 AP 的含量均对土壤微生物具有重要作用[21]。

与裸地相比,林地和灌丛的土壤细菌基因组 DNA 含量显著增加($P < 0.05$),而不同森林类型之间没有显著差异。这可能是由于裸地的土壤营养贫瘠,pH 较高导致。因为细菌丰度与土壤 SOC、TN、AP 显著正相关($P < 0.05$),与土壤 pH 极显著负相关($P < 0.01$),而森林土壤养分含量高(NA、NO、NS、PL),且土壤的 pH 也得到了一定的改善,而 pH 对土壤细菌群落的结构具有决定性的作用[22]。这说明退耕还林后土壤质量得到改善,土壤营养肥沃、pH 降低有利于微生物的生长。同时,由于细菌可产生胞外代谢物,如多糖、脂类和蛋白质,可起到胶结作用,以稳定团聚体[23],从而促使林地的土壤质量高于裸地。但土壤真菌与土壤养分含量没有呈现出显著的相关性,这可能与其功能和特性有关,如分解纤维素、木质素和果胶等难降解物质[24],且真菌的抗逆性较强。但是真菌菌丝的积累,能使土壤的物理结构得到改善[25],因此可以在一定程度上反映土壤的状况。

本研究天然辽东栎林、天然侧柏林 MBC/SOC 含量显著高于人工刺槐林和裸地。这可能是由于刺槐林地过度耗水和裸地恶劣的环境,使得土壤容易处于干旱状态,微生物的最适代谢时间较短,因此需要维持较高的 MBC/SOC 水平。这说明土壤的环境状况对微生物的组成具有一定的决定性作用。土壤 MBC/MBN 的比值可以用来反映土壤中微生物的种类组成[3],通常,细菌的该比值在 5 左右,放线菌在 6 左右,而真菌在 10 左右。本研究土壤 MBC/MBN 在 6 左右,说明本研究样地放线菌含量相对丰富,这可能与放线菌生长繁殖的环境条件有关。土壤放线菌的最适生长 pH 范围一般呈微碱性,本研究区域土壤呈微碱性(8 左右),是放线菌的适生环境[26]。同时放线菌可以分解许多有机物,包括芳香化合物、纤维素、木质素等复杂化合物[27]。因此,放线菌在自然界物质循环中有积极作用,能促使土壤形成团粒结构从而改善土壤。

4 结论

不同植被类型,土壤营养状况不同,对土壤微生物生物量有较大的影响。在该研究区中,土壤养分和微生物生物量表现出一致的趋势:天然林与灌丛最高、人工林次之,裸地最低。土壤 MBC、MBN 表现出与土壤 SOC、TN 和土壤 AP 呈显著正相关,因此该地区土壤肥力对土壤 MBC、MBN 具有主要的限制作用,同时土壤 MBC、MBN 可以作为判断土壤肥力状况的生物学指标之一。

不同植被类型下,土壤细菌丰度与土壤营养状况呈显著正相关,真菌丰度没有显著相关性,说明该地区的偏碱性土壤环境不利于真菌生存。在改善土壤质量方面,乡土种表现出优势性,因此提倡选择乡土树种来改善土壤环境和微生物资源。

参考文献(References):

[1] 李胜蓝, 方晰, 项文化, 孙伟军, 张仕吉. 湘中丘陵区 4 种森林类型土壤微生物生物量碳氮含量. 林业科学, 2014, 50(5): 8-16.

[2] 邱甜甜, 刘国彬, 王国梁, 孙利鹏, 姚旭. 黄土高原不同生长阶段油松人工林土壤微生物生物量碳的变化及其影响因素. 应用生态学报, 2016, 27(3): 681-687.

[3] 赵彤, 闫浩, 蒋跃利, 黄懿梅, 安韶山. 黄土丘陵区植被类型对土壤微生物量碳氮磷的影响. 生态学报, 2013, 33(18): 5615-5622.

[4] 刘爽, 王传宽. 五种温带森林土壤微生物生物量碳氮的时空格局. 生态学报, 2010, 30(12): 3135-3143.

[5] 马晓哲, 王铮. 土地利用变化对区域碳源汇的影响研究进展. 生态学报, 2015, 35(17): 5898-5907.

[6] 丛静, 刘晓, 卢慧, 薛亚东, 刘学端, 尹华群, 李迪强, 张于光. 神农架自然保护区土壤微生物生物量碳、氮沿海拔梯度的变化及其影响因素. 生态学杂志, 2014, 33(12): 3381-3387.

[7] 杜盛, 刘国彬. 黄土高原植被恢复的生态功能. 北京: 科学出版社, 2015: 204-207.

[8] Geisseler D, Lazicki P A, Scow K M. Mineral nitrogen input decreases microbial biomass in soils under grasslands but not annual crops. Applied Soil Ecology, 2016, 106: 1-10.

[9] Shi W Y, Yan M J, Zhang J G, Guan J H, Du S. Soil CO_2 emissions from five different types of land use on the semiarid Loess Plateau of China, with emphasis on the contribution of winter soil respiration. Atmospheric Environment, 2014, 88: 74-82.

[10] 李小涵, 王朝辉. 两种测定土壤有机碳方法的比较. 分析仪器, 2009, (5): 78-80.

[11] 李世清, 李生秀. 土壤微生物体氮测定方法的研究. 植物营养与肥料学报, 2000, 6(1): 75-83.

[12] Fierer N, Jackson J A, Vilgalys R,.Jackson R B. Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specific quantitative PCR assays. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(7): 4117-4120.

[13] Borneman J, Hartin R J. PCR primers that amplify fungal rRNA genes from environmental samples. Applied and Environmental Microbiology, 2000, 66(10): 4356-4360.

[14] Lane D J. 16S/23S rRNA sequencing // Stackebrandt E,Goodfellow M, eds. Nucleic Acid Techniques in Bacterial Systematics. New York, NY, USA: John Wiley & Sons, 1991: 115-175.

[15] Johnson M J, Lee K Y, Scow K M. DNA fingerprinting reveals links among agricultural crops, soil properties, and the composition of soil microbial communities. Geoderma, 2003, 114(3/4): 279-303.

[16] Gil-Sotres F, Trasar-Cepeda C, Leirós M C, Seoane S. Different approaches to evaluating soil quality using biochemical properties. Soil Biology and Biochemistry, 2005, 37(5): 877-887.

[17] 张崇邦, 金则新, 施时迪. 天台山不同林型土壤微生物区系及其商值(qMB,qCO_2). 生态学杂志, 2003, 22(2): 28-31, 55-55.

[18] Wang F E, Chen Y X, Tian G M, Kumar S, He Y F, Fu Q L, Lin Q. Microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus in the soil profiles of different vegetation covers established for soil rehabilitation in a red soil region of southeastern China. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2004, 68(2): 181-189.

[19] Tateno R, Tokuchi N, Yamanaka N, Du S, Otsuki K, Shimamura T, Xue Z D, Wang S Q, Hou Q C. Comparison of litterfall production and leaf litter decomposition between an exotic black locust plantation and an indigenous oak forest near Yan'an on the Loess Plateau, China. Forest Ecology & Management, 2007, 241(1/3): 84-90.

[20] Wang Q K, Wang S L. Microbial biomass in subtropical forest soils: effect of conversion of natural secondary broad-leaved forest to Cunninghamia lanceolata plantation. Journal of Forestry Research, 2006, 17(3): 197-200.

[21] 王国兵, 郝岩松, 王兵, 阮宏华. 土地利用方式的改变对土壤呼吸及土壤微生物生物量的影响. 北京林业大学学报, 2006, 28(S2): 73-79.

[22] Feng Y Z, Grogan P, Caporaso J G, Zhang H Y, Lin X G, Knight R, Chu H Y. pH is a good predictor of the distribution of anoxygenic purple phototrophic bacteria in Arctic soils. Soil Biology & Biochemistry, 2014, 74: 193-200.

[23] 张曲. 南极菌 Psvchrobacter sp. B-3 胞外低聚糖的结构及其抗氧化活性研究[D]. 青岛: 青岛科技大学, 2013.

[24] 张晶, 张惠文, 李新宇, 张成刚. 土壤真菌多样性及分子生态学研究进展. 应用生态学报, 2004, 15(10): 1958-1962.

[25] 李艳红. 真菌菌丝对土壤碳、肥力及结构组成影响的初步研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2013.

[26] Griffiths R I, Thomson B C, James P, Bell T, Bailey M, Whiteley A S. The bacterial biogeography of British soils. Environmental Microbiology, 2011, 13(6): 1642-1654.

[27] Tang Y Q, Ji P, Lai G L, Chi C Q, Liu Z S, Wu X L. Diverse microbial community from the coalbeds of the Ordos Basin, China. International Journal of Coal Geology, 2012, 90-91: 21-33.